

REIVINDICACIONES

1. Un método para la producción autotrófica de alcoholes y biodiesel CARACTERIZADO porque incluye:
 - Introducir un organismo autótrofo transgénico en un sistema de reactores, incluyendo el organismo autótrofo transgénico una serie de transgenes que codifican para un conjunto de enzimas que confieren una vía fotoautotrófica o hidrogenotrófica para la producción de alcohol y biodiesel;
 - usar un proceso fotosintético o hidrogenotrófico en el reactor biológico para sintetizar el alcohol o el biodiesel a partir de dióxido de carbono y agua;
 - usar un proceso de separación de productos para recolectar el alcohol y biodiesel sintetizado en el biorreactor; y
 - recolectar la biomasa del cultivo líquido presente en el biorreactor por medio de auto-floculación caracterizado porque las células transgénicas de diseño que están en la masa de cultivo líquida auto-floculan de manera inducible para aumentar la recolección de su biomasa cuando expresan los polipéptidos de carga positiva de diseño unidos a la superficie celular.
2. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque el organismo autótrofo transgénico incluye al menos una de las plantas transgénicas de diseño, células vegetales, algas verde azules, cianobacterias, o una célula bacterial seleccionada del grupo consistente en algas verde azules (oxifotobacterias incluyendo cianobacterias y oxiclorobacterias), bacterias hidrogenotróficas, bacterias fermentativas, arqueas metanógenas, plantas acuáticas, células vegetales, algas verdes, algas rojas, algas pardas, diatomeas, algas marinas, algas de agua dulce, cepas de algas tolerantes a la sal, cepas de algas tolerantes al frío, cepas de algas tolerantes al calor, mutantes deficientes en pigmentos antena, cepas de algas tolerantes al butanol, cepas de algas tolerantes a alcoholes superiores, oxifotobacterias tolerantes al butanol, bacterias hidrogenotróficas y arqueas metanógenas tolerantes al butanol, oxifotobacterias tolerantes a alcoholes superiores, bacterias hidrogenotróficas tolerantes al alcohol, bacterias fermentativas tolerantes al alcohol, algas tolerantes al biodiesel, cianobacterias tolerantes al biodiesel, bacterias fermentativas tolerantes al biodiesel, y bacterias hidrogenotróficas tolerantes al biodiesel, algas tolerantes al alcohol y al biodiesel, cianobacterias tolerantes al alcohol y al biodiesel, bacterias fermentativas tolerantes al alcohol y al biodiesel, bacterias hidrogenotróficas tolerantes al alcohol y al biodiesel, y arqueas metanógenas tolerantes al alcohol y al biodiesel.

3. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque el organismo autótrofo transgénico incluye algas eucariotas, algas verde azules (oxifotobacterias incluyendo cianobacterias y oxiclorobacterias) y bacterias seleccionadas del grupo consistente en *Chlamydomonas reinhardtii*, *Platymonas subcordiformis*, *Chlorella fusca*, *Chlorella sorokiniana*, *Chlorella vulgaris*, '*Chlorella*' *ellipsoidea*, *Chlorella* spp., *Dunaliella salina*, *Dunaliella viridis*, *Dunaliella bardowil*, *Haematococcus pluvialis*; *Parachlorella kessleri*, *Betaphycus gelatinum*, *Chondrus crispus*, *Cyanidioschyzon merolae*, *Cyanidium caldarium*, *Galdieria sulphuraria*, *Gelidiella acerosa*, *Gracilaria changii*, *Kappaphycus alvarezii*, *Porphyra miniata*, *Ostreococcus tauri*, *Porphyra yezoensis*, *Porphyridium* sp., *Palmaria palmata*, *Gracilaria* spp., *Isochrysis galbana*, *Kappaphycus* spp., *Laminaria japonica*, *Laminaria* spp., *Monostroma* spp., *Nannochloris bacillaris*, *Nannochloris* sp., *Nannochloropsis oculata*, *Porphyra* spp., *Porphyridium* spp., *Undaria pinnatifida*, *Ulva lactuca*, *Ulva* spp., *Undaria* spp., *Phaeodactylum Tricornutum*, *Navicula saprophila*, *Cryptocodinium cohnii*, *Cylindrotheca fusiformis*, *Cyclotella cryptica*, *Euglena gracilis*, *Amphidinium* sp., *Symbiodinium microadriaticum*, *Macrocystis pyrifera*, *Ankistrodesmus braunii*, *Ankistrodesmus convolutus*, *Ankistrodesmus falcatus*, *Ankistrodesmus stipitatus*, *Pavlova salina*, *Pavlova lutheri*, *Botryococcus braunii*, *Scenedesmus vacuolatus*, *Scenedesmus acutus*, *Scenedesmus rotundus*, *Scenedesmus dimorphus*, *Scenedesmus* sp. Ki4, *Scenedesmus* sp. LU4, *Scenedesmus quadricaudus*, *Scenedesmus obliquus*, *Thermosynechococcus elongatus* BP-1, *Nostoc* sp. PCC 7120, *Synechococcus elongatus* PCC 6301, *Synechococcus* sp. cepa PCC 7942, *Synechococcus* sp. cepa PCC 7002, *Synechocystis* sp. cepa PCC 6803, *Prochlorococcus marinus* MED4, *Prochlorococcus marinus* MIT 9313, *Prochlorococcus marinus* NATL1A, *Prochlorococcus* SS120, *Spirulina platensis* (*Arthrospira platensis*), *Spirulina pacifica*, *Lyngbya majuscula*, *Anabaena* sp., *Synechocystis* sp., *Synechococcus elongates*, *Synechococcus* (MC-A), *Trichodesmium* sp., *Richelia intracellularis*, *Synechococcus* WH7803, *Synechococcus* WH8102, *Nostoc punctiforme*, *Synechococcus* sp. cepa PCC 7943, *Synechocystis* PCC 6714 phycocyanin-deficient mutant PD-1, *Cyanothece* cepa 51142, *Cyanothece* sp. CCY0110, *Oscillatoria limosa*, *Lyngbya majuscula*, *Symploca muscorum*, *Gloeobacter violaceus*, *Prochloron didemni*, *Prochlorothrix hollandica*, *Synechococcus* (MC-A), *Trichodesmium* sp., *Richelia intracellularis*, *Prochlorococcus marinus*, *Prochlorococcus* SS120, *Synechococcus* WH8102, *Lyngbya majuscula*, *Symploca muscorum*, *Synechococcus bigranulatus*, cryophilic *Oscillatoria* sp., *Phormidium* sp., *Nostoc* sp.-1, *Calothrix parietina*, thermophilic *Synechococcus bigranulatus*, *Synechococcus lividus*, thermophilic *Mastigocladus laminosus*, *Chlorogloeopsis fritschii* PCC 6912, *Synechococcus*

vulcanus, *Synechococcus* sp. cepa MA4, *Synechococcus* sp. cepa MA19, *Methanocella paludicola* SANA, *Acinetobacter baumannii* ABNIH3, *Acinetobacter baumannii* ABNIH4, *Acinetobacter* sp. DR1, *Agrobacterium* sp. H13-3; *Agrobacterium vitis* S4, *Alcaligenes* sp., *Allochromatium vinosum* DSM 180, *Amycolatopsis mediterranei* S699, *Anoxybacillus flavithermus* WK1, *Aquifex aeolicus* VF5, *Archaeoglobus fulgidus* DSM 4304, *Archaeoglobus veneficus* SNP6, *Azospirillum* sp. B510, *Burkholderia cenocepacia* HI2424, *Caldicellulosiruptor bescii* DSM 6725, *Carboxydotherrmus hydrogenoformans*, *Centipeda periodontii* DSM 2778, *Clostridium autoethanogenum*, *Clostridium ragsdalei*, *Clostridium sticklandii* DSM 519, *Clostridium sticklandii*, *Corynebacterium glutamicum*, *Cupriavidus metallidurans* CH34, *Cupriavidus necator* N-1, *Desulfobacca acetoxidans* DSM 11109, *Exiguobacterium* sp. AT1b, *Ferrimonas balearica* DSM 9799, *Ferroglobus placidus* DSM 10642, *Geobacillus kaustophilus* HTA426, *Helicobacter bilis* ATCC 43879, *Herbaspirillum seropedicae* SmR1, *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6, *Hydrogenovibrio marinus*, *Klebsiella variicola* At-22, *Methanobacterium* sp. SWAN-1, *Methanobrevibacter ruminantium* M1, *Methanocaldococcus fervens* AG86, *Methanocaldococcus infernus* ME, *Methanocaldococcus jannaschii*, *Methanocaldococcus* sp. FS406-22, *Methanocaldococcus vulcanius* M7, *Methanococcus aeolicus* Nankai-3, *Methanococcus maripaludis* C6, *Methanococcus maripaludis* S2, *Methanococcus voltae* A3, *Methanocorpusculum labreanum* Z, *Methanoculleus marisnigri* JR1, *Methanohalophilus mahii* DSM 5219, *Methanolinea tarda* NOBI-1, *Methanoplanus petrolearius* DSM 11571, *Methanoplanus petrolearius*, *Methanopyrus kandleri* AV19, *Methanoregula boonei* 6A8, *Methanosaeta harundinacea* 6Ac, *Methanosalsum zhilinae* DSM 4017, *Methanosarcina acetivorans* C2A, *Methanosarcina barkeri* str. Fusaro, *Methanosarcina mazei* Go1, *Methanosphaera stadtmanae*, *Methanospirillum hungatei* JF-1, *Methanothermobacter marburgensis* str. Marburg, *Methanothermobacter marburgensis*, *Methanothermobacter thermautotrophicus*, *Methanothermococcus okinawensis* IH1, *Methanothermus fervidus* DSM 2088, *Methylobacillus flagellates*, *Methylobacterium organophilum*, *Methylococcus capsulatus*, *Methylomicrobium kenyanse*, *Methylomonas methanica* MC09, *Methylomonas* sp. LW13, *Methylosinus* sp. LW2, *Methylosinus trichosporium* OB3b, *Methylotenera mobilis* JLW8, *Methylotenera versatilis* 301, *Methylovorus glucosetrophus* SIP3-4, *Moorella thermoacetica* ATCC 39073, *Moorella thermoacetica*, *Oligotropha carboxidovorans* OM5, *Paenibacillus terrae* HPL-003, *Pelotomaculum thermopropionicum* SI, *Planctomyces brasiliensis* DSM 5305, *Pyrococcus furiosus* DSM 3638, *Pyrococcus horikoshii* OT3, *Pyrococcus yayanosii* CH1, *Ralstonia eutropha* H16, *Rubrivivax* sp., *Selenomonas noxia* ATCC 43541, *Shewanella baltica* BA175, *Stenotrophomonas* sp. SKA14, *Synechococcus* sp. JA-2-3B'a(2-13), *Synechococcus* sp. JA-3-3Ab, *Thermococcus gammatolerans* EJ3,

Thermococcus kodakarensis KOD1, *Thermococcus onnurineus* NA1, *Thermococcus* sp. 4557, *Thermodesulfatator indicus* DSM 15286, *Thermophilum pendens* Hrk 5, *Thermotoga lettingae* TMO, *Thermotoga petrophila* RKU-1, *Thiocapsa roseopersicina*, *Thiomonas intermedia* K12, *Xanthobacter autotrophicus*, *Yersinia pestis* Antiqua, *Thermosynechococcus elongatus*, *Phaeodactylum tricornutum*, *Methanosarcina barkeri*, y *Microcoleus vaginatus*.

4. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque dicho organismo autótrofo transgénico incluye un conjunto de genes de diseño que expresan una vía fotoautotrófica de producción de metanol-biodiesel de diseño la que incluye: gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NADPH, gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NAD⁺, formiato deshidrogenasa, formaldehído deshidrogenasa, alcohol deshidrogenasa, y lipasa.
5. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque dicho organismo autótrofo transgénico incluye un conjunto de genes de diseño que expresan vía hidrogenotrófica de producción de metanol-biodiesel de diseño la que incluye: hidrogenasa soluble reductora de NAD, formiato deshidrogenasa, formaldehído deshidrogenasa, alcohol deshidrogenasa, y lipasa.
6. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque dicho organismo autótrofo transgénico incluye un conjunto de genes de diseño que expresan una vía fotoautotrófica de producción de etanol-biodiesel de diseño la que incluye: gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NADPH, gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NAD⁺, fosfoglicerato mutasa, enolasa, piruvato quinasa, piruvato decarboxilasa, alcohol deshidrogenasa, y lipasa.
7. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO PORQUE dicho organismo autótrofo transgénico incluye un conjunto de genes de diseño que expresan una vía fotoautotrófica de producción de butanol-biodiesel de diseño la que incluye: gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NAD⁺, fosfoglicerato mutasa, , enolasa, piruvato quinasa, piruvato-ferrodoxina oxidorreductasa, acetil-CoA acetiltransferasa, tiolasa, 3-hidroxibutiril-CoA deshidrogenasa, crotonasa, trans- enoil-CoA reductasa, butiril-CoA deshidrogenasa, butirilaldehído deshidrogenasa, aldehído/alcohol deshidrogenasa (AdhE2), butanol deshidrogenasa, y lipasa.

8. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque dicho organismo autótrofo transgénico incluye un conjunto de genes de diseño que expresan una vía fotoautotrófica de producción de butanol-biodiesel de diseño la que incluye: gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NADPH, gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NAD⁺, fosfoglicerato mutasa, enolasa, fosfoenolpiruvato carboxilasa, aspartato aminotransferasa, aspartato quinasa, aspartato-semialdehído deshidrogenasa, homoserina deshidrogenasa, homoserina quinasa, treonina sintasa, treonina amonio-liasa, 2-isopropilmalato sintasa, isopropilmalato isomerasa, 3-isopropilmalato deshidrogenasa, 2-cetoácido decarboxilasa, alcohol deshidrogenasa dependiente de NAD, alcohol deshidrogenasa dependiente de NADPH, butanol deshidrogenasa, y lipasa.
9. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque dicho organismo autótrofo transgénico incluye un conjunto de genes de diseño que expresan una vía fotoautotrófica de producción de isobutanol-biodiesel de diseño la que incluye: gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NADPH, gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NAD⁺, fosfoglicerato mutasa, enolasa, piruvato quinasa, acetolactato sintetasa, cetoácido reductoisomerasa, dihidroxi ácido deshidratasa, 2-cetoácido decarboxilasa, alcohol deshidrogenasa dependiente de NAD, alcohol deshidrogenasa dependiente de NADPH, y lipasa.
10. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque dicho organismo autótrofo transgénico incluye un conjunto de genes de diseño que expresan una vía fotoautotrófica de producción de 3-metil-1-butanol-biodiesel de diseño la que incluye: gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NADPH, gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NAD⁺, fosfoglicerato mutasa, enolasa, piruvato quinasa, acetolactato sintetasa, cetoácido reductoisomerasa, dihidroxi ácido deshidratasa, 2-isopropilmalato sintasa, 3-isopropilmalato deshidratasa, 3-isopropilmalato deshidrogenasa, 2-cetoácido decarboxilasa, alcohol deshidrogenasa dependiente de NAD, alcohol deshidrogenasa dependiente de NADPH, 3-metilbutanal reductasa, y lipasa.
11. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque dicho organismo autótrofo transgénico incluye un conjunto de genes de diseño que expresan una vía anaeróbica de producción de 1-butanol-biodiesel de diseño la que incluye: hidrogenasa convertidora de energía, [NiFe]-hidrogenasa, hidrogenasa reductora de Coenzima F₄₂₀, hidrogenasa soluble, hetero disulfuro reductasa, formilmetanofurano deshidrogenasa, formil transferasa, 10

- metenil-tetrahidrometanopterina ciclohidrolasa, 10-metilen-H₄
 metanopterinadeshidrogenasa, 10-metilen-H₄ metanopterina reductasa, metil-H₄-
 metanopterina:proteína corriennoide hierro-sulfuro metiltransferasa, proteína corriennoide
 hierro-sulfuro, CO deshidrogenasa/acetil-CoA sintasa, tiolasa, 3-hidroxibutiril-CoA
 deshidrogenasa, crotonasa, butiril-CoA deshidrogenasa, butirilaldehído deshidrogenasa,
 butanol deshidrogenasa, alcohol deshidrogenasa, y lipasa.
12. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque dicho organismo autótrofo transgénico incluye un conjunto de genes de diseño que expresan una vía anaeróbica de producción de 1-butanol-biodiesel de diseño la que incluye: formiato deshidrogenasa, 10-formil-H₄ folato sintetasa, meteniltetrahidrofolato ciclohidrolasa, 10-metilen-H₄ folatodeshidrogenasa, 10-metilen-H₄ folato reductasa, metil-H₄-folato:proteína corriennoide hierro-sulfuro metiltransferasa, proteína corriennoide hierro-sulfuro, CO deshidrogenasa/acetil-CoA sintasa, tiolasa, 3-hidroxibutiril-CoA deshidrogenasa, crotonasa, butiril-CoA deshidrogenasa, butirilaldehído deshidrogenasa, butanol deshidrogenasa, alcohol deshidrogenasa, y lipasa.
13. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque dicho organismo autótrofo transgénico incluye un conjunto de genes de diseño que expresan una vía autotrófica de producción de metanol la que incluye formiato deshidrogenasa, formaldehído deshidrogenasa, y alcohol deshidrogenasa (ADH).
14. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque se usa un sistema regulatorio de transcripción sensible a biocombustibles-alcohol en combinación con un marcador selectivo para mejorar la búsqueda de células transgénicas que tienen una producción aumentada de un biocombustible seleccionado del grupo consistente en butanol y alcoholes superiores relacionados.
15. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque dicho organismo autótrofo transgénico incluye al menos uno de una planta fotosintética transgénica, una célula fotosintética transgénica, un alga fotosintética, un alga verde azul, una cianobacteria transgénica y una bacteria transgénica que incluye al menos una vía fotosintética y una vía hidrogenotrófica de diseño para la producción autotrófica de un alcohol; y el alcohol es seleccionado del grupo consistente en metanol, etanol, propanol, 1-butanol, 2-metil-1-butanol, isobutanol, 3-metil-1-butanol, 1-hexanol, 1-octanol, 1-pentanol, 1-heptanol, 3-metil-

1-pentanol, 4-metil-1-hexanol, 5-metil-1-heptanol, 4-metil-1-pentanol, 5-metil-1-hexanol, 6-metil-1-heptanol y combinaciones de estos.

16. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO PORQUE dicho alcohol es simultáneamente y/o subsecuentemente utilizado por una lipasa en la transesterificación de triglicéridos y ácidos grasos para la producción de biodiesel.
17. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque el conjunto de enzimas incluye al menos una enzima seleccionada del grupo consistente en lipasa, formiato deshidrogenasa ($F_{ate}DH$), formaldehído deshidrogenasa ($F_{ald}DH$), alcohol deshidrogenasa (ADH), gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NADPH, gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NAD^+ , fosfoglicerato mutasa, enolasa, piruvato quinasa, citramalato sintasa, 2-metilmalato deshidratasa, 3-isopropilmalato deshidratasa, 3-isopropilmalato deshidrogenasa, 2-isopropilmalato sintasa, isopropilmalato isomerasa, 3-isopropilmalato isomerasa, isopropilmalato sintasa de diseño, isopropilmalato isomerasa de diseño, 3-isopropilmalato deshidrogenasa de diseño, 2-cetoácido decarboxilasa de diseño, deshidrogenasa de alcohol de cadena corta, hexanol deshidrogenasa, isopropilmalato sintasa de diseño, isopropilmalato isomerasa de diseño, 3-isopropilmalato deshidrogenasa de diseño, 2-cetoácido decarboxilasa de diseño, y deshidrogenasa de alcohol de cadena corta de diseño.
18. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque dicho organismo autótrofo transgénico de diseño está hecho libre de cualquier gen de resistencia a antibióticos; para una mejor bioseguridad se utiliza una selección por complementación con nutrientes con autótrofos que son generados por la eliminación de un gen asociado con un nutriente esencial seleccionado del grupo consistente en arginosuccinato liasa (*arg7*), nitrato reductasa, cetoácido reductoisomerasa y dihidroxi-ácido deshidratasa.
19. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO PORQUE los mencionados polipéptidos con carga positiva de diseño que se expresan en la superficie celular microbiana transgénica son seleccionados del grupo consistente en polipéptidos ricos en residuos de lisina, polipéptidos ricos en residuos de arginina, polipéptidos ricos en residuos de histidina, polipéptidos ricos en residuos de lisina y arginina, polipéptidos ricos en residuos de lisina e histidina, polipéptidos ricos en residuos de lisina, arginina e histidina, polilisina fusionada con lipasa, polilisina fusionada con lipasa y poliamina, polipéptidos con carga positiva fusionados con lipasa, polilisina fusionada con lipasa y proteína fluorescente, y

polipéptidos con carga positiva fusionados con lipasa y proteína fluorescente.

20. El método de la reivindicación 1, CARACTERIZADO porque el organismo autótrofo transgénico incluye una característica de resguardo de bioseguridad seleccionada del grupo consistente en un gen inducible de diseño para un canal de protones que se expresa con condiciones de inducción pre-determinadas, un gen inducible de diseño para un ARNi del ciclo de división celular que se expresa con condiciones de inducción pre-determinadas, un mutante con altos requerimientos de CO₂, y un organismo altamente termofílico como organismo huésped para la transformación con los genes para las vías de producción de biocombustible de diseño para crear organismos autótrofos de diseño con división celular controlable, y combinaciones de estos; y caracterizado porque dicho organismo autótrofo transgénico incluye un conjunto de genes ejemplificados con los constructos de diseño de SEC ID NoS. 1–232 mostrados en la lista de secuencias para expresar al menos una de las proteínas seleccionadas del grupo consistente en: lipasa, formiato deshidrogenasa (F_{ate}DH), formaldehído deshidrogenasa (F_{ald}DH), alcohol deshidrogenasa (ADH), gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NADPH, gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa dependiente de NAD⁺, fosfoglicerato mutasa, **enolasa**, piruvato quinasa, piruvato decarboxilasa, alcohol deshidrogenasa, **enolasa**, **piruvato quinasa**, piruvato-ferrodoxina oxidorreductasa, acetil-CoA acetiltransferasa, tiolasa, 3-hidroxi butiril-CoA deshidrogenasa, crotonasa, trans- enoil-CoA reductasa, butiril-CoA deshidrogenasa, butiraldehído deshidrogenasa, aldehído/alcohol deshidrogenasa, butanol deshidrogenasa, fosfoenolpiruvato carboxilasa, aspartato aminotransferasa, aspartato quinasa, aspartato-semialdehído deshidrogenasa, homoserina deshidrogenasa, homoserina quinasa, treonina sintasa, treonina amonio-liasa, 2-isopropilmalato sintasa, isopropilmalato isomerasa, 3-isopropilmalato deshidrogenasa, **2-cetoácido decarboxilasa**, alcohol deshidrogenasa dependiente de NADPH, butanol deshidrogenasa, acetolactato sintasa, cetoácido reductoisomerasa, dihidroxi ácido deshidratasa, **2-cetoácido decarboxilasa**, **alcohol deshidrogenasa dependiente de NAD**, **alcohol deshidrogenasa dependiente de NADPH**, acetolactato sintasa, cetoácido reductoisomerasa, dihidroxi ácido deshidratasa, 2-isopropilmalato sintasa, 3-isopropilmalato deshidratasa, , 3-isopropilmalato deshidrogenasa, 2-cetoácido decarboxilasa, **alcohol deshidrogenasa dependiente de NAD**, **alcohol deshidrogenasa dependiente de NADPH**, 3-metilbutanal reductasa, hidrogenasa soluble (SH *en inglés*) tolerante al oxígeno, hidrogenas unida a membrana (MBH *en inglés*) tolerante al oxígeno, hidrogenasa convertidora de energía (Ech *en inglés*), metil-H₄MPT: coenzima-M metiltransferasa (Mtr), metiyl-coenzima M reductasa (Mcr), hetero disulfuro reductasa (Hdr), [NiFe]-hidrogenasa (Mvh), hidrogenasareductora de Coenzima F₄₂₀ (Frh),